

나. 연구실적물 세부내역

연구실적 - 1				
제목	Deepfake Text Detection: Limitations and Opportunities			
연구구분 (발표연월일)	논문	발표기관 (학회와 학술지명)		2023 IEEE Symposium on Security and Privacy (SP)
학술지등급	국내학술지			
	국제학술지	SCI, SCIE/SSCI		
저자	인원수	8명	역할	공동 (참여)
연구자	Jiameng Pu, Zain Sarwar, Sifat Muhammad Abdullah, Abdullah Rehman, Yoonjin kim, Parantapa Bhattacharya, Mobin Javed, Bimal Viswanath		실적물 환산율	30 %
개요	<p>최근 언어 생성 모델의 발전으로 인해 신뢰할 수 있는 합성 텍스트 또는 딥페이크 텍스트가 생성될 수 있게 되었습니다. 그러나 이러한 딥페이크 텍스트의 오남용이 콘텐츠 소비자를 오도하거나 미끼로 이용할 수 있는 가능성이 제기되어, 딥페이크 텍스트 탐지는 점차적으로 중요성을 가지고 있는 과제로 부상하고 있습니다. 이를 위해 다양한 방어 기법들이 제안되었으나, 이러한 방어 기법들의 현실 세계 적용 가능성에 대한 철저한 이해가 부족한 상황입니다. 따라서 본 논문에서는 Transformer 기반 도구를 활용한 4개의 온라인 서비스로부터 딥페이크 텍스트를 수집하고, 이를 통해 방어 기법들의 일반화 능력을 평가하였습니다. 또한, 비용을 절감할 수 있는 적대적 공격을 개발하고, 기존의 방어 기법이 적응적인 공격자에 대해 얼마나 견고한지를 조사하였습니다. 이 과정에서 많은 방어 기법들이 원래 주장한 성능에 비해 평가 시나리오에서 상당한 성능 저하를 보였음을 확인하였습니다. 따라서 본 연구 결과는 텍스트 콘텐츠의 의미 정보를 활용함으로써 딥페이크 텍스트 탐지 체계의 견고성과 일반화 성능을 향상시킬 수 있는 유망한 접근 방식을 제시함을 보여줍니다.</p>			

연구실적 - 2

제목	Flud: A Hybrid Crowd-Algorithm Approach for Visualizing Biological Networks			
연구구분 (발표연월일)	논문	발표기관 (학회와 학술지명)		ACM Transactions on Computer-Human Interaction
학술지등급	국내학술지			
	국제학술지	SCI, SCIE/SSCI		
저자	인원수	5명	역할	공동 (참여)
연구자	Aditya Bharadwaj, David Gwizdala, Yoonjin Kim, Kurt Luther, T. M. Murali		실적물 환산율	30 %
개요	<p>현대의 다양한 학문 분야에서는 대량의 네트워크(그래프) 데이터를 생성합니다. 연구자들은 이러한 네트워크의 아름다운 레이아웃을 필요로 합니다. 이 레이아웃은 도메인 지식과 의미를 명확하게 전달해야 합니다. 그러나 다중 충돌하는 미적 기준과 복잡한 도메인 특정 제약 때문에 이 문제는 여전히 어려움이 남아 있습니다. 본 논문에서는 세포에서 발생하는 과정의 기반이 되는 단백질 상호작용을 생물학 연구자가 이해할 수 있도록 시각화를 생성하는 전략을 제시합니다. 구체적으로, 알고리즘으로 생성된 제안을 도움으로써 전문 지식이 없는 사람들이 생물학적으로 의미 있는 그래프 레이아웃을 설계할 수 있는 클라우드 파워드 시스템인 Flud를 개발하였습니다. 더욱이, 클라우드 작업자와 시뮬레이티드 앤널링 알고리즘이 상호작용하여 그래프 레이아웃의 혼합 접근법을 제안합니다. Amazon Mechanical Turk에서 약 2,000명의 클라우드 작업자를 대상으로 한 연구에서는, 클라우드-알고리즘 혼합 접근법이 복잡한 시그널링 경로를 나타내는 복잡한 네트워크를 배치하는 작업에서, 클라우드 전용 접근법과 최첨단 기법보다 우수한 성과를 보였습니다. 생물학 관련 훈련을 받은 7명의 참가자를 대상으로 한 다른 연구에서는, Flud 레이아웃이 최첨단 기법으로 생성된 레이아웃보다 효과적임을 확인하였습니다. 또한, 알고리즘으로 생성된 제안이 작업자들이 막혔을 때 도움이 되며 점수를 향상시키는 데 도움이 되었습니다. 마지막으로, 생물학 이외의 레이아웃 디자인 작업에서 혼합 참여 상호작용의 보다 넓은 의미에 대해 논의합니다.</p>			

연구실적 - 3				
제목	The probability of chromatin to be at the nuclear lamina has no systematic effect on its transcription level			
연구구분 (발표연월일)	플랫폼 발표	발표기관 (학회와 학술지명)		Biophysical Society
학술지등급	국내학술지			
	국제학술지			
저자	인원수	5명	역할	공동 (제1)
연구자	Yoonjin Kim, Alexander Y. Afanasyev, Igor S. Tolokh, Igor V. Sharakhov, Alexey V. Onufriev		실적물 환산율	30 %
개요	<p>유전자 발현과 핵 주위에 있는 핵 섬유막 사이에 상관 관계가 있는 것으로 여러 연구에서 보고되었습니다. 이에 따라 우리는 드로소필라(Drosophila) 핵의 토폴로지 연관 도메인(TADs) 내 유전자 그룹의 발현 수준과 해당 TADs가 핵 주변에 위치하는 확률 사이에 인과적이고 체계적인 연결이 있는지 조사하고자 합니다. 이 연결을 탐구하기 위해 우리는 드로소필라 핵 전체를 대상으로 한 거친 단위 동적 모델과 제어 및 라미늄 고갈된(LD) 핵에 대한 게놈 전체의 유전자 발현 데이터를 결합하여 실험을 수행했습니다. 우리는 TAD 내 유전자의 평균 전사 수준을 분석하고 개별 TAD가 핵 주변에 위치할 확률과의 관계를 조사했습니다. 연구 결과, 통계적 오차 범위 내에서 드로소필라 TADs의 핵 주변 위치가 단독으로는 해당 TADs 내의 평균 유전자 발현에 체계적인 영향을 미치지 않는 것으로 나타났습니다. 그러나 예상되는 음의 상관 관계는 확인되었습니다. 즉, TADs의 핵 주변 위치 자체가 유전자 발현에 직접적인 영향을 미치는 것은 아니지만, 두 가지 요인 사이에는 음의 관련성이 있음을 발견하였습니다. 이러한 결과는 인과관계 없이 상관관계가 존재하는 기전에 대한 심층적인 이해를 도모하기 위해 추가적인 연구가 필요함을 시사합니다. 또한, 우리는 TAD 내의 유전자들의 평균 전사 활동을 평가하기 위해 TAD 길이에 정규화된 지표인 RPKMT (Reads Per Kilobase of TAD length per Million reads mapped to all TADs)를 도입하였습니다. 이 측정 지표는 TAD 내의 모든 유전자에 매핑된 리드 수를 TAD의 길이로 정규화하고, 이를 모든 TADs에 매핑된 리드 수의 백만분율로 표현한 것입니다. 마지막으로, 이 연구 결과는 단순한 상관 관계에 대한 한계를 넘어 인과관계 없이도 상관관계가 존재할 수 있는 기전에 대해 검증 가능한 가설을 제시하고 있습니다. 이는 핵 주변 위치와 유전자 발현 간의 관계를 이해하는 데 중요한 통찰력을 제공하며, 생물학 이외의 레이아웃 디자인 작업에서 혼합주도형 상호작용에 대한 보다 폭넓은 함의에 대해 논의할 수 있습니다.</p>			

* 연구실적물 갯수에 따라 서식 추가 가능(예: 연구실적-n)